

1	60
MSGAVLVAIAAAVGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLESNPSVEGLIVAMSLIGATLIT	
MGGAVMVAIAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNQSEPLIEGLIVAMFLIGATVIT	
MAGAVLVAIAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNHSDPLIEGLIVAM----	

MKGAVLVAIAASIGNFLQGWDNATIAGANGYIKKDLALGTT--MERLVVGMSLIGATVIT	

MSGAAALVAIAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFQLENNPTVEGLIVA----	

SEQ ID NO:16	

61	TCsggvadwlgrrpmlilssilyfvgslvmlwspnvyvlllgrllldgfgvgglvvtlvpiy	120
SEQ ID NO:29 (gi 3080420)		
SEQ ID NO:2	TSpqpradcvgrpmlvasavlyfvsglvmlwapiyivilllARllldgfgiglavtlvpvy	
SEQ ID NO:4		
SEQ ID NO:6		
SEQ ID NO:8	tcsqpiadwlgrrpmmiissvlyflgglvmlwspnvyvclarlldgfgiglavtlvpvy	
SEQ ID NO:10		
SEQ ID NO:12		
SEQ ID NO:14		
SEQ ID NO:16		

[illegible]

FIG. 1A

```

181                               240
SEQ ID NO:29 (gi 3080420)      FLTVFFLPESPRWLVS KGRMLEAKRVLQRLRGREDVSGEMALLVEGLGIGGETTIEEYII
SEQ ID NO:2                      GLTVFYLPESPRWLVS KGRMAEAKRVXQRLRGREDVSXEXALLVEGLGVGKDTRIXEYII
SEQ ID NO:4                      -----IT-----TXS-----
SEQ ID NO:6                      -----
SEQ ID NO:8                      ALTIFLPESPRWLVS KGRMLEAKKVLRQRLRGREDVSGEMALLVEGLGIGGDTSEIEYII
SEQ ID NO:10                     -----
SEQ ID NO:12                     -----
SEQ ID NO:14                     -----
SEQ ID NO:16                     -----

241                               300
SEQ ID NO:29 (gi 3080420)      GPADEVTDHDI AVDKD-QIKLYGAEGLSWVARPVKG-----GSTMSVLSRHGSTMRRQ
SEQ ID NO:2                      GPATEAADDLVTGDKE-QITLYGPEEGQSWIARPSKGPIMLGSVLSASRHGS-MVNQS
SEQ ID NO:4                      -----
SEQ ID NO:6                      -----
SEQ ID NO:8                      GPADDVADGHEHATEKD-KIRLYGSQAGLSWLSKPVGTG-----SSIGLASHHGS-IINQS
SEQ ID NO:10                     -----DPSREKD-QIKLYGPEQGQSWVARPVAGP-----NSVGLVSRKGS-MANPS
SEQ ID NO:12                     -----S-----
SEQ ID NO:14                     -----
SEQ ID NO:16                     -----

301                               360
SEQ ID NO:29 (gi 3080420)      GSLIDPLVTLFGSVHEKMPDTG---SMRSALFPFHFGSMFVSGN---QPRHEDWD---EEN
SEQ ID NO:2                      VPLMDPIVTLFGSVHENMPQAG--GSMRSTLFPNFGSMFVTDQ--HAKNEQWD---EEN
SEQ ID NO:4                      -----
SEQ ID NO:6                      -----
SEQ ID NO:8                      MPLMDPLVTLFGSIHEKLPETGARGSMRSTLFPNFGSMFSTAE--PHAKIEQWD---EES
SEQ ID NO:10                     -SLVDPLVTLFGSVHEKLPETG-----STLFPFHFGSMFVGG--NQRNEDWD---EES
SEQ ID NO:12                     -----
SEQ ID NO:14                     -----WK-----E-----
SEQ ID NO:16                     -----

```

FIG. 1B

```

361                                420
SEQ ID NO:29 (gi 3080420) LVGEDEDYPSD---HGDDSEDDLHSPLISRQTTSMK-KDMPHTAH--GTLSTFRHGSQV
SEQ ID NO:2 LHRDDEEYASD---GAGGDYEDNLHSPLLSRQATGAEGKDIVHHGHRGSALSMRRQS---L
SEQ ID NO:4 -----
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 LQREDYMSDATRG---DSDDNLHSPLISRQTTSLK-KDLPPPPSHGSIILGSMRRHSSI
SEQ ID NO:10 LAREGDDYVSDA--G---DSDDNLQSPILSRQTTSLD-KDIPPHAH--SNLASMRQGSLL
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 -----
SEQ ID NO:16 -----

421                                480
SEQ ID NO:29 (gi 3080420) QGAQGEAGSMGIGGGWQVAVKWTEREDESQKEEGF-----PGSRRGSIIVSLPG
SEQ ID NO:2 LGEAGDGVSSTDIGGGWQLAWKWSEKEGEGNGRKEGGFKRVYLHQEGVPGSRRGSIIVSLPG
SEQ ID NO:4 -----
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 MQSGEQGGSTGIGGGWQLAWKWTDK-GEDGKQGGGFKRIYLHEEGVSASRRGSIIVSLPG
SEQ ID NO:10 HGNSGEPTGSTGIGGGWQLAWKWSEREGPDGKKEGGFKRIYLHQDGGSGSRRGSVVSLPG
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 ---GGEAVSSTGIGGGWQLAWKWSEREQGEDGKKEGGFKRIYLHQEGVADSRRGSVVSLPG
SEQ ID NO:16 -----

481                                540
SEQ ID NO:29 (gi 3080420) GDGTGEA--DFVQASALVSPALYSKDLLKEHT-IGPAMVHPSE-TTKGSIWHDLDHPGV
SEQ ID NO:2 GGDVLEGS-EFVHAAALVQSALFSKGLAEPRM-SDAAMVHPSEVAAGSRWKDLFEPGV
SEQ ID NO:4 -----
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 EG-----EFVQAAALVSPALYSKELIDGH-PVGPAMVHPSETASKGPSWKALLEPGV
SEQ ID NO:10 GDLPTD--SEVVQAAALVSPALYNEDLMRQR-PVGPAMIHPSETIAKGPSWSDLFEPGV
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 GGDATQGGSGFIHAAALVSHSALYSKDLMEERMAAGPAMIHPLEAAPKGSIWKDLFEPGV
SEQ ID NO:16 -----EPGV

```

FIG. 1C

```

541                               600
SEQ ID NO:29 (gi 3080420) KRALVVGVLQILQQFSGINGVLYYTPQILEQAGVGILLSNMGISSSSASALLISALTTFV
SEQ ID NO:2 RRALLVGVGIQILQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVAVILSKFGLSSASASILSSLTTL
SEQ ID NO:4 -----
SEQ ID NO:6 -----VL-----
SEQ ID NO:8 KHALVVGVIQILQQFSGINGVLYYTPQILEEAGVEVLLSDIGIGSESASFLLISAFITFL
SEQ ID NO:10 KHALIVGVMQILQQFSGINGVLYYTPQILEQAGVGILLSSLGSTSSFLISAVTTLL
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 RRALFVGVGIQMLQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVAVLLSNLGLSSASASILSSLTTL
SEQ ID NO:16 KHALFVGIGLQILQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVGILLSNLGLSSASASILISALTTL

601                               660
SEQ ID NO:29 (gi 3080420) MLPAIAVAMRLMDLSGRRLLLTTPILIASLLVLVISNLVHMNSIVHAVLSTVSVVIYF
SEQ ID NO:2 MLPCIGFAMLLMDLSGRRFLLLTGTPILIASLVILVSNLIDLGLTLAHALLSTISVIVYF
SEQ ID NO:4 -----
SEQ ID NO:6 -----TLILVNILDVGMTVHASLSTVSVILYF
SEQ ID NO:8 MLPCIGVAMKLMDSGRRQLLTTPVLIVSLIILVIGSLVNFENVAAHAISTVCVVVYF
SEQ ID NO:10 MLPCIAIAMRLMDISGRRLLLTTPVLIAALLILVGLSLVDLGTANASISTISVIVYF
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 MLPSIGVAMRLMDISGRRFLLLTGTPILIASLIVLGVVNVINLSTVPHAVLSTVSVIVYF
SEQ ID NO:16 MLPSIGIAMRLMDMSGRRFLLLTTPVLIVAVLVLVNVDVGMTVHAALSTISVIVYF

661                               720
SEQ ID NO:29 (gi 3080420) CFFVMGFGPAPNILCSEIFPTRVRGICIAICALTFWICDIIVTYSLPVLKSLGAGVFG
SEQ ID NO:2 CCFVMGFGPIPNILCAEIFPTRVRGLCIAICAFWFWIGDIIVTYSLPVMINAIGLAGVFS
SEQ ID NO:4 -----
SEQ ID NO:6 CFFVMGFGPIPNILCAEIFPTTVRGICIAICALTFWIGDIIVTYTLPVMINAIGLAGVFG
SEQ ID NO:8 CCFVMGYGPIPNILCSEIFPTRVRGLCIAICALVFWIGDIIITYSLPVMGLSLGIGGVFA
SEQ ID NO:10 CFFVMGFGPIPNILCAEIFPTRVRGLCIAICALTFWICDIIVTYTLPVMINSVGLAGVFG
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 CCFVMGFGPIPNILCAEIFPTRVRGVCAICALTFWICDIIVTYSLPVMINAIGLAGVFG
SEQ ID NO:16 CCFVMGFGPIPNILCAEIFPTSVRGICIAICALTFWIGDIIVTYTLPVMINAIGLAGVFG

```

FIG. 1D

721 767
SEQ ID NO:29 (gi 3080420) MYAIVCCISWVFVFIKVPETKGMPLLEVITEFFSVGARQAEAA--KNE
SEQ ID NO:2 IYAVVCLISFVFVFLKVPETKGMPLLEVITEFFAVGAKQAAA-----KA
SEQ ID NO:4 -----
SEQ ID NO:6 IYAVVCILAEFLFVEMKVPETKGMPLLEVITEFFSVGAKQ-AKE-----D
SEQ ID NO:8 IYAVVCFISWIFVFLKVPETKGMPLLEVISEFFSVGAKQAASA--KNE
SEQ ID NO:10 IYAVVCFIAWVFVFLKVPETKGMPLLEVIEFFSVGAKQFDDA--KHN
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:14 IYAVVCCIAFVFVYLKVPETKGMPLLEVITEFFAVGAKQ-AQA--TIA
SEQ ID NO:16 IYAVVCVLA FVFVVMKVPETKGMPLLEVITEFFSVGAKQ-GKE--ATD

FIG. 1E

SEQ ID NO:30
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:28

SEQ	ID	NO	30
SEQ	ID	NO	18
SEQ	ID	NO	20
SEQ	ID	NO	22
SEQ	ID	NO	24
SEQ	ID	NO	26
SEQ	ID	NO	28

SEQ ID NO:30
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:28

FIG. 2A

SEQ ID NO:30	181	GYALMIAPVYTAEVSPASSRGFELTSFPEVF	240
SEQ ID NO:18		GYALMIATVYTAEVSPXSARGELTSFPEVFI	
SEQ ID NO:20		GYGGMIAPVYTAEISPAASRGFLTTFPEVF	
SEQ ID NO:22		GYALMIAPVYTAEVSPASARGFELTSFPEVF	
SEQ ID NO:24		GYALMIAPVYTAEVSPASSRGFELTSFPEVF	
SEQ ID NO:26		GYALMIAPVNTGEVSPASARGVLTFSFPEVF	
SEQ ID NO:28		GYAIMVAPVYTPDEVSPASARGELTSFTEVF	
SEQ ID NO:30	241	GAIPSIFLAIGVLAMPESPRWLVMQRLGD	300
SEQ ID NO:18		AKKVLNRI	
SEQ ID NO:20		SDSPEEAQLRLSEIKQTAGIPA	
SEQ ID NO:22		GAVPSGLLALLVFCMPESPRWLVLKGR	
SEQ ID NO:24		LADARAVLEKTSATPEEAAERLADIKAAAGIPK	
SEQ ID NO:26		GAAPSVLLALMVLGMPESPRWLVMKGR	
SEQ ID NO:28		LADAKVLEKTSDTAEAAERLADIKAAAGIPE	
		GAIPSVLLTVGV	
		LAMPESPRWLVMRGRIGEAR	
		KVNLKTSDSKEEAQLRLAEIKQAAAGIPE	
		GAVPSVLLAFMVLGMPESPRWLVMKGR	
		LADAKVVLAKTSDTPEEAAERLADIKTAAGIPL	
		GAVPSALLALMVF	
		GMPESPRWLVMKGR	
		LADARAVLAKTSDTPEEAAVERLDQIKAAAGIPR	
SEQ ID NO:30	301	ECDEDIYKVEKTIKSGNA-VWKELFFNPTPAVRR	360
SEQ ID NO:18		AVIAGIGIHFFQQASGIDAVVLYSP	
SEQ ID NO:20		GLDGDVVTVPGKEQGGGELQVWKLL	
SEQ ID NO:22		ILSPTPAVRRILLSAVGLHFFQQASGSDSVVQYSA	
SEQ ID NO:24		ELDGDVVTVPK-RGSGNEKRVWKELILSPTPAMRR	
SEQ ID NO:26		ILLSGIGIHFFQHALGIHSVVFYSP	
SEQ ID NO:28		SCNDDVVQVNVKQS--NGEG-VWKELFLYPTPAIRH	
		IVIAALGIHFFQQASGVDVAVVLYSP	
		GLDGDVVVPV	
		PKNVKGSSEKRVLKDILSPTIAMRHIL	
		AGIGIHFFQQSSGIDAVVLYSP	
		ELDGDVVVMP-KTKGGQEKQVWKELIFSPTPAMRR	
		ILLAAALGIHFFQQATGSDSVVLYSP	

FIG. 2B

SEQ ID NO: 30	361	RIFQSAGITNARKQLLATVAVGVVKTTLFILVATFQDKYGRRPLLLTSVGGMIIAILTLA	420
SEQ ID NO: 18		-----	
SEQ ID NO: 20		RLFKSAGITDDNKLLGVTCAVGVTKTFFILVATFLLDRAGRRPLLLISTGGMIVSLICLG	
SEQ ID NO: 22		LVFKSPGLTNDKHFELGTTWPGVTKRLEFILLATFFIDGVRRPLLLGSTGGIILSLIGLG	
SEQ ID NO: 24		RIFEKAGITNDTHKLLATVAVGVFVKTVFILAAFTLDRVRRPLLLSSVGGMVLSLITLA	
SEQ ID NO: 26		LVFKSAGITGDSRLRGTTAVGATNTVFILVATFLLDRIRRRPLVLTSTGGMIVSIVGLA	
SEQ ID NO: 28		RVFQSAGITGDNHLLGATCAMGVMTLFIIVATFQLDVRGRRPLLLTSTAGMLACLIGLG	
SEQ ID NO: 30	421	MSLTVID-HSHHKITWAIALCITMVCVVASFISIGLGPITWVYSSEVFPLRLRAQGTSMG	480
SEQ ID NO: 18		-----	
SEQ ID NO: 20		SGLTVAGHHPDTKVAVAVALCIASTLSYIAFFSIGLGPITGVYTSEIFPLQVRALGFAVG	
SEQ ID NO: 22		AGLTVVGQHPDAKIPWAIGLSIASTLAYVAFSIGLGPITWVYSSEIFPLQVRALGCSLG	
SEQ ID NO: 24		ISLTVID-HSERKLMWAVGSSIAMVLAYVATFISIGAGPITWVYSSEIFPLRLRAQGAAG	
SEQ ID NO: 26		TGLTVISRHPDEKITWAIIVLCIFCIMAIVAFSIGLGPITWVYSSEIFPLHVRALGCSIG	
SEQ ID NO: 28		TGLTVVGRHPDAKVPWAIIGLCIVSILAYVSFFSIGLGPITSVYTSEVFPLRVRAIGFALG	
SEQ ID NO: 30	481	VAVNRVVGVISIFFLPLSHKITTGGAFFLFGGIAIIAFFFFLTFLPETRGRITLENMHEL	540
SEQ ID NO: 18		-----	
SEQ ID NO: 20		VASNRVTSAVISMTFLSLSKAITIGGSFFLYSGIAAVAVVFFFTCLPETRGRITLEEMGKL	
SEQ ID NO: 22		VANRVTSGVISMTFLSLSKAITIGGSFFLYSGIAALAWVFFFTYLPETRGRITLEEMSKL	
SEQ ID NO: 24		VAVNRVTSVAVVMTFLSLTRAITIGGAFFLYCGIATVGIFFFTVLPETRGRITLEDMEGS	
SEQ ID NO: 26		VAVNRVTSVVISMTFISLSKAMTIGGAFFLFAGIASFAVFFFTAYLPETRGRITLEDMSL	
SEQ ID NO: 28		TSCNRVTSAAVMSFSLSKAITIGGSFFLYAGIAAIGWIFFFTFIPETRGLPLEEIGKL	

FIG. 2C

541
FEDFRWRESEFPGNKSNNDENSTRKQSNNGNDKSQVQLGETTTSTTVTNDNH
-----TS-----
FGM-----PDTGMAEEAEDA-AAKEKVVELPSSK-----
FGD-----TAAASESEDEPAKEK---KKVEMAATN-----
FGTFRSKSN--ASKAVENENG-----QVAQVQLG-----TNVQT
FGN-----TATHKQGAEEADDDAGEKKVEMAATN-----
FGM-----TDTAVEAQDTAT-KDKAKVGEM---N-----

SEQ ID NO:30
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:28

FIG. 2D